

Implikasi Biogeografi dari Variasi DNA Mitokondria pada Suku Sunda

Iman P. Maksum^{1,*}, Wanda Destiarani¹, Riezki Amalia², Salsabila Shofia³, Rizky Rafi Rahmawan¹

¹Departemen Kimia, FMIPA, Universitas Padjadjaran, Sumedang, 45363, Indonesia

²Fakultas Farmasi, Universitas Padjadjaran, Sumedang, 45363, Indonesia

³Departemen Antropologi, FISIP, Universitas Padjadjaran, Sumedang, 45363, Indonesia

*Penulis korespondensi: iman.permana@unpad.ac.id

DOI: <https://doi.org/10.24198/cna.v8.n2.29562>

Abstrak: Suku Sunda menjadi salah satu suku mayoritas di Indonesia yang tidak memiliki ciri fisik khas seperti suku - suku yang lain, contohnya warna kulit ataupun jenis rambut. Hal ini berpengaruh pada sulitnya untuk menentukan identitas suku Sunda dari segi fisiknya. Akibatnya, penelusuran sejarah dan perjalanan migrasi suku Sunda masih belum jelas. Oleh karena itu dibutuhkan pendekatan lain berupa data genetik yang dapat menggambarkan hubungan kekerabatan dan evolusinya. Analisis filogenetik urutan DNA mitokondria telah terbukti menjadi alat yang efektif untuk identifikasi seseorang dan juga dapat menunjukkan asal populasi yang berbeda. Urutan DNA mitokondria yang digunakan berada pada daerah hipervariabel I (HVI) karena tingkat variasinya yang tinggi. Pada penelitian ini, urutan DNA mitokondria yang berasal dari Kampung Baduy, Ciptagelar, Dukuh serta Kuta diisolasi, diamplifikasi untuk analisis delesi 9pb dan dikarakterisasi dengan enzim restriksi *AluI* dan *DdeI*. Selain itu juga dilakukan *sequencing* terhadap sampel Kampung Baduy dan Kuta untuk mengetahui pola migrasinya. Hasil analisis delesi 9pb dan adanya fragmen DNA hasil restriksi menunjukkan bahwa suku Sunda membawa marker Asia. Berdasarkan analisis varian dan haplogrup migrasi suku Sunda berawal dari barat ke timur, yang ditunjukkan oleh Kampung Baduy dengan haplogrup N9a6a yang lebih tua dibandingkan dengan haplogrup pada Kampung Kuta yaitu B5a.

Kata kunci: DNA mitokondria, Suku Sunda, delesi 9pb, haplogrup

Abstract: The Sundanese are one of the majority tribes in Indonesia. However, there's none typical physical characteristics such as skin colour or type of hairs which make it difficult to determine it's identity. As a result, the history and migration of the Sundanese is still unclear. Therefore another approach in the form of genetic data is needed to describe their evolution. Phylogenetic analysis of mtDNA is proven to be an effective tool for identifying someone and also show the origin of different populations. The hypervariable region I (HVI) in mtDNA was used because of its high degree of it's variation. In this study, mtDNA sequences from Baduy, Ciptagelar, Dukuh and Kuta Village, were isolated and amplified for 9pb deletion analysis, also characterized by *AluI* and *DdeI* restriction enzymes. In addition, sequencing of samples from the Baduy and Kuta was carried out to find the migration pattern. The results of 9pb deletion analysis and the presence of restriction DNA fragments indicate that Sundanese carry Asian markers. Based on analysis of variance and haplogroup, the Sundanese migration starts from west to east, indicated by older haplogroup N9a6a of Baduy than haplogroup B5a in Kuta.

Keywords: mtDNA, Sundanese, 9pb deletion, haplogroup

PENDAHULUAN

Suku Sunda yang merupakan salah satu suku mayoritas di Indonesia dan memiliki sejarah panjang, dimulai sejak abad ke-5 atau sejak ditemukannya prasasti kerajaan Tarumanegara. Namun realitasnya, suku Sunda hanya menyisakan sumber-sumber sejarah yang sangat terbatas (Dienaputra 2011). Karena tidak mempunyai ciri fisik yang khas seperti suku- suku yang lain, maka sulit untuk menentukan identitas suku Sunda dari tampilan fisiknya (Ekadjadi 1984). Akibatnya, penelusuran sejarah dan perjalanan

migrasi suku Sunda masih belum jelas. Oleh karena itu, dibutuhkan pendekatan lain dalam penelusuran migrasi suku Sunda, yaitu data genetik DNA mitokondria yang dapat menggambarkan hubungan kekerabatan dan evolusi, karena sifatnya yang diturunkan secara maternal atau segaris ibu (Giles *et al.* 1980).

Analisis filogenetik urutan DNA mitokondria pada daerah hipervariabel telah terbukti menjadi alat yang efektif untuk identifikasi seseorang dan juga dapat menunjukkan asal populasi yang berbeda

(Morovvati *et al.* 2007; Nesheva 2014). Daerah hipervariabel I dan II (HVS I dan HVS II) yang terdapat pada *control region* (D-loop) berperan penting dalam regulasi serta inisiasi replikasi dan transkripsi (Nesheva 2014). Variasi dalam daerah tersebut akan menunjukkan haplotip dan haplogrup tertentu sesuai dengan asal geografis individu (Tsutsumi *et al.* 2006; Rasheed *et al.* 2017). Selain itu, DNA mitokondria digunakan dalam bidang forensik maupun antropologi karena dapat mengungkap identitas dari individu (Sultana & Sultan 2018).

Pada penelitian ini, sampel DNA mitokondria diambil dari manusia suku Sunda di Kampung Baduy dan Kampung Kuta. Kedua kampung ini merupakan tempat dengan komunitas suku Sunda yang masih asli dan menjaga ketat sistem adat perkawinan mereka (endogami) (Ekadjati 1984; Djoewisno 1988). Sampel dari Kampung Cipta Gelar dan Kampung Dukuh dijadikan data tambahan untuk mewakili wilayah daerah bagian tengah. Dalam penelitian ini data varian DNA mitokondria yang diperoleh digunakan untuk menyimpulkan asal dan pola migrasi pada populasi suku Sunda, sehingga dapat mengatasi missing link dalam sejarah, serta bermanfaat pada bidang antropologi dan perkembangan analisis forensik.

BAHAN DAN METODE

Alat dan Bahan

Peralatan laboratorium biologis seperti mikropipet 5µL, 50µL dan 200µL, tabung mikro 0,2mL dan 1,5 mL, sentrifugator (*Eppendorf* 5720), *waterbath*, dan alat konsentrator vakum (*Eppendorf*). Visualisasi hasil isolasi mtDNA menggunakan elektroforesis horizontal (*ApelexTM DNA electrophoresis cell*) dan lampu LED (*FastGene Blue LED Illuminators*). Amplifikasi fragmen DNA daerah HVI dengan alat PCR (*Biometra T professional gradient ThermocyclerTM* dan *Sensoquest Labcycler Gradient*), dikerjakan di Laboratorium Sentral dan Laboratorium Mikrobiologi Farmasi, Universitas Padjadjaran.

Sampel penelitian diambil dari total 43 orang yang berasal dari Kampung Baduy, Desa Cipondok, Kec. Leuwidamar, Lebak - Banten dan Kampung Kuta, Kec. Tambaksari, Ciamis, Kampung Cipta Gelar, Kec. Cisolok, Sukabumi dan Kampung Dukuh, Desa Cijambe, Kec. Cikelet, Garut - Jawa Barat. Bahan yang digunakan meliputi agarosa p.a, buffer lisis 10x, buffer TAE, *DNA ladder* 100pb, *SYBRsafe stain*, kertas *Whatman* No. 40, *loading dye*, *nuclease free water* (NFW), primer M1/M2 (Macrogen), proteinase K, *Taq DNA polymerase* PCR set (Promega) dan enzim restriksi *AluI* dan *DdeI*.

Pengambilan Sampel

Pengambilan sampel dilakukan di empat kampung yaitu Kampung Baduy, Ciptagelar, Dukuh dan Kuta dengan total 43 orang yang mewakili

komunitas manusia Sunda asli karena masih menjaga garis keturunannya melalui sistem perkawinan endogami (Djoewisno 1988; Ekadjati 1984). Sampel yang berasal dari Kampung Baduy dan Kampung Kuta dianggap mewakili persebaran suku Sunda dari ujung barat dan timur tanah Sunda (wilayah bagian barat pulau Jawa, sebagian besar wilayahnya masuk provinsi Jawa Barat dan Banten), sehingga digunakan untuk penentuan pola migrasi. Bagian tengah diwakili oleh Kampung Ciptagelar dan Kampung Dukuh. Sampel sel epitel rongga mulut diambil dengan cara pengisapan kertas *Whatman* steril (Metode *Mouth Scrap*) No.40 steril (Uk. 2×2 cm²) ke dalam mulut setiap individu, kemudian kertas tersebut dihisap dan dikerinkingan (Hartati *et al.*, 2004). Sumber DNA lainnya yaitu sel folikel yang langsung diambil dari akar rambut perempuan asli kampung tersebut. Di kampung Baduy selain kertas *Whatman*, diambil juga air kumurnya. Larutan elektrolit digunakan sebagai air kumur untuk meningkatkan perolehan sel epitel yang dapat terekstraksi. Templat mtDNA diperoleh dari hasil lisis dengan metode Maniatis menggunakan buffer lisis dan proteinase-K (Sambrook *et al.*, 1989), dengan volume akhir masing – masing sampel 300 µL.

Amplifikasi templat dengan PCR

Amplifikasi 400pb daerah D-loop pada 20 sampel dilakukan dengan PCR menggunakan primer M1/M2 (posisi nukleotida 16.419-16.401) (Maksum 2019; Maksum *et al.* 2019). Primer M1 memiliki urutan 5'CACCATTAGCACCCAAAGCT3', sedangkan urutan pada primer M2 yaitu 5'GATTTACGGAGGATGGTG3' (Gumilar *et al.* 2016). Proses PCR dilakukan dengan suhu penempelan 58°C selama 30 siklus. Amplifikasi 100pb dilakukan pada 23 sampel lainnya dengan kondisi berbeda yaitu primer hasil desain yaitu L8221 dengan urutan 5'TCGTCCTAGAATTAATTCCC3' dan H8310 dengan urutan 5'AGTTAGCTTTACAGTGGGCT3' (posisi nukleotida 8211-8230) dan suhu penempelan 52°C. Hasil PCR dikarakterisasi dengan elektroforesis agarosa 2%, tegangan 100volt selama 30 menit menggunakan buffer TAE1x dan divisualisasi dengan *SYBRsafe stain* dan lampu LED. *DNA ladder* 100 pb (Promega) digunakan sebagai marker (Sambrook *et al.* 1989).

Karakterisasi dengan enzim restriksi *AluI* dan *DdeI*

Amplikon 100 pb dari proses PCR terhadap 23 sampel sebelumnya kemudian dimurnikan dengan metode presipitasi etanol. Selanjutnya templat mtDNA yang telah dimurnikan diinkubasi dengan enzim restriksi *AluI* dan *DdeI* dalam buffer pada 37°C selama 24 jam.

Sequencing

Sequencing dilakukan terhadap tiap amplicon 400pb yang telah berhasil diisolasi dan diamplifikasi melalui metode Dideoksi Sanger oleh PT. Genetika Science - Jakarta. Tahapan yang dikerjakan meliputi pemeriksaan kualitas sampel menggunakan elektroforesis gel, preparasi sampel (*PCR-Clean Up*) menggunakan *Spin Column* dan Ekstraksi Gel, *sequencing* kemudian elektroforesis gel poliakrilamida, dan pembacaan elektroforegram hasil sekuensing.

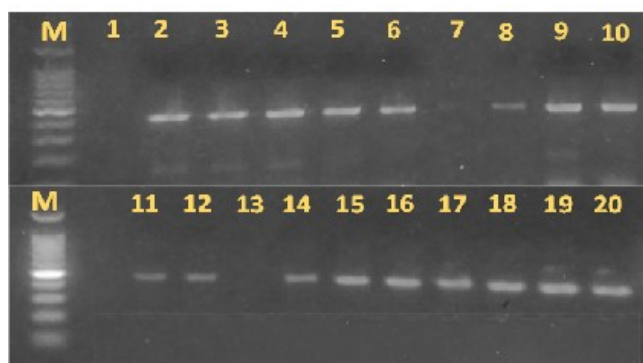
Analisis filogenetik sekuen mtDNA

Analisis homologi dan filogenetik urutan nukleotida daerah HVI mtDNA hasil *sequencing* dilakukan dengan menggunakan fitur pada program *DNASTar* versi 7.1.0. yaitu *EditSeq*, *SeqMan*, dan *MegAlign*. Pencarian varian dan haplogrup menggunakan program *webserver* yaitu HaploGrep2 (Weissensteiner *et al.* 2016).

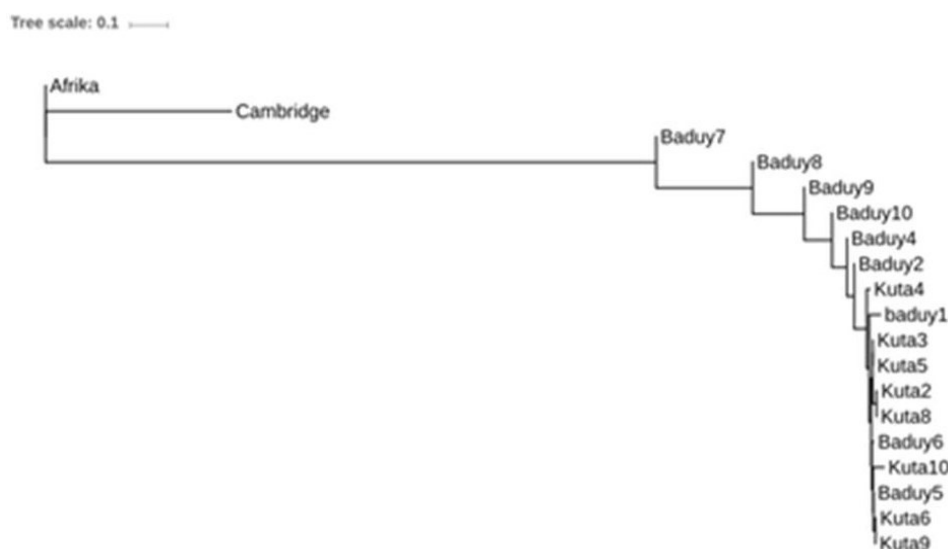
HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis varian daerah HVI

Primer M1/M2 pada proses PCR digunakan untuk menghasilkan fragmen daerah HVI dengan ukuran 400 pb. Terdapat 17 sampel yang berhasil diamplifikasi dari total 20 sampel hasil PCR yang ditunjukkan oleh pita DNA seperti pada Gambar 1. Daerah HVI dipilih karena bersifat sangat informatif dalam studi evolusi karena memiliki variasi urutan yang tinggi dan tingkat mutasinya tidak banyak (Hudson 2017). Selanjutnya dilakukan *sequencing*, dan didapatkan urutan daerah HVI dari 17 sampel tersebut. Analisis homologi dan varian dilakukan menggunakan program *DNASTar* versi 7.1.0 dengan cara menyajajarkan sampel dengan urutan *revised Cambridge Reference Sequence* (rCRS) serta urutan manusia Afrika yang dianggap menjadi nenek moyang manusia di seluruh dunia karena memiliki haplogrup yang paling tua yaitu haplogrup L. Analisis homologi juga dilakukan terhadap dua



Gambar 1. Hasil elektroforesis agarosa 2% terhadap hasil PCR menggunakan primer M1/M2 yang ditunjukkan oleh pita mtDNA berupa fragmen HVI yang berukuran 400 pb. M: marker 100 pb; sampel 1-10: Kampung Kuta; sampel 11-20: Kampung Baduy. Sampel 1, 7, dan 13 tidak berhasil diamplifikasi.



Gambar 2. Pohon filogenetik migrasi suku Sunda berdasarkan metode ClustalW. Sampel yang berasal dari Kampung Kuta dan Kampung Baduy dibandingkan dengan urutan *Cambridge* dan Afrika yang diperoleh dari NCBI dan Mitomap.

kelompok sampel tersebut (Kampung Baduy dan Kampung Kuta), hasilnya didapatkan hubungan kekerabatan yang dekat dengan presentase homologi sekitar 90-100%. Hasil analisis filogenetiknya menunjukkan bahwa manusia Sunda yang berasal dari Kampung Baduy lebih tua dibandingkan dengan yang berasal dari Kampung Kuta, karena sampel yang berasal dari Baduy lebih dekat posisinya dengan urutan *Cambridge* maupun urutan manusia Afrika (Gambar 2).

Hal ini juga ditegaskan oleh hasil analisis variannya, karena haplogrup yang ditemukan pada sampel Kampung Baduy juga lebih tua jika dibandingkan dengan haplogrup Kampung Kuta. Sampel Kampung Baduy menunjukkan beberapa haplogrup, namun secara umum haplogrup yang mewakilinya adalah N9a6a, dan hanya terdapat satu

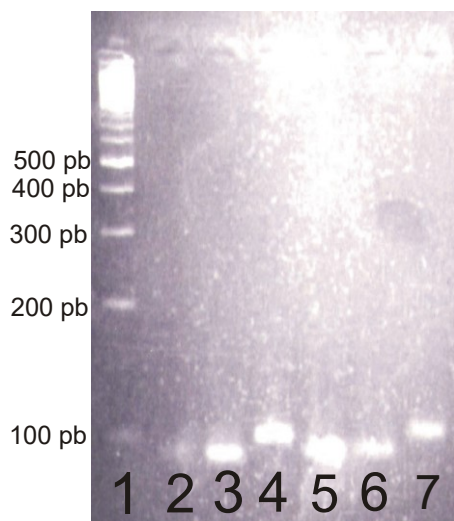
haplogrup yang berbeda dari sembilan sampel yang dianalisis (Tabel 1). Haplogrup N9a6a merupakan turunan haplogrup N9 yang berasal dari *Far East* yaitu wilayah geografis yang mencakup Asia Timur dan Tenggara Rusia. Haplogrup ini juga pernah ditemukan di daerah Kamboja dan Malaysia (Behar *et al.* 2012). Pada Kampung Kuta ditemukan haplogrup B4 dan B5 yang jauh lebih muda dibandingkan dengan haplogrup N (Mitomap 2008), yang juga terdapat di daerah Thailand. Motif polinesia yang berbeda ditemukan pada sampel Kampung Kuta dan Baduy. Pada Kampung Kuta ditemukan motif polinesia 16217C sedangkan Kampung Baduy memiliki motif 16261T, yang menunjukkan populasi di kedua kampung tersebut juga memiliki hubungan evolusi dengan manusia Asia.

Tabel 1. Analisis varian hasil sequencing sampel Kampung Baduy dan Kuta.

| No. | Sampel | Haplogrup | Marker | Varian Lainnya | Varian Baru |
|-----|--------------|-------------|---|--|-------------|
| 1. | Kuta2 (2) | B4c1b+16335 | 16189C 16217C 16274A 16335G | | |
| 2. | Kuta3 (3) | B4 | 16189C 16217C | | |
| 3. | Kuta4 (4) | M52a1 | 16223T 16327A 16390A | 16094A 16157C 16184A 16278T | |
| 4. | Kuta5 (5) | B4c2 | 16147T 16184A 16189C 16217C | 16079A 16157C 16183C | |
| 5. | Kuta6 (6) | B5a | 16189C 16266A | 16207G | |
| 6. | Kuta8 (8) | B4c1b+16335 | 16189C 16217C 16274A 16335G | | |
| 7. | Kuta9 (9) | B5a | 16189C 16266A | 16207G | |
| 8. | Kuta10 (10) | B5a | 16189C 16266A | 16183C 16188T 16213A 16269C | |
| 9. | Baduy1 (11) | N8 | 16223T 16263C 16266T 16274A 16311C 16343G | 16357C 16189C | |
| 10. | Baduy2 (12) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16136C | |
| 11. | Baduy4 (14) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16136C | |
| 12. | Baduy5 (15) | B5a | 16189C 16266A | | |
| 13. | Baduy6 (16) | F1+16189 | 16189C 16304C | 16183C | |
| 14. | Baduy7 (17) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16033C | 16033C |
| 15. | Baduy8 (18) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16136C | |
| 16. | Baduy9 (19) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16033C | 16033C |
| 17. | Baduy10 (20) | N9a6a | 16223T 16257A 16261T 16292T 16294T | 16094A 16136C 16157C 16337A 16345C | |

Analisis delesi 9pb dan analisis sisi restriksi *DdeI* dan *AluI*

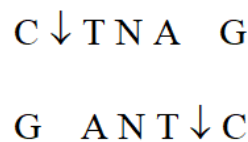
Analisis delesi 9pb dan sisi restriksi *DdeI* dan *AluI* ini dilakukan untuk melihat terjadinya Motif Asia pada manusia Sunda dengan melihat keberadaan Motif Polinesia dan situs restriksi *overlapping* enzim *AluI* dan *DdeI*, serta melihat hubungan terjadinya ketiga motif Asia ini, sehingga dapat melengkapi data genetik manusia Sunda dan manusia Indonesia secara keseluruhan. Analisis delesi 9 pb dilakukan terhadap daerah spesifik yaitu posisi nukleotida 8211-8230. Oleh karena itu, digunakan primer L8221 dan H8310 untuk menghasilkan amplikon 100 pb dari 23 sampel lainnya. Hasilnya ditunjukkan melalui fragmen sepanjang 99 pb atau 90 pb dari hasil elektroforesis agarose 2% (Gambar 3). Hal tersebut menunjukkan bahwa terjadi delesi 9 pb pada 10 individu dan terjadi fragmen normal yaitu sekitar 100 pb pada 13 individu lainnya. Adanya delesi 9 pb merupakan pengaruh motif Asia seperti pada manusia Indonesia lainnya, sesuai dengan hasil penelitian Handoko *et al* (2007).



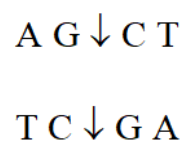
Gambar 3. Hasil elektroforesis agarosa 2% pada sampel analisis delesi 9pb. 1: marker 100pb; 2: sampel L1; 3: sampel L5; 4: sampel K5; 5: sampel K2; 6: sampel K4; 7: sampel K3.

Melton *et al.* (1995) berhipotesis bahwa delesi 9 pb terjadi sekitar 60.000 tahun yang lalu, diikuti tidak lama kemudian dengan transisi pada nukleotida 16.217, dan mtDNA yang membawa kedua marka tersebut menyebar ke wilayah Asia Tenggara. Sumber delesi 9 pb dan transisi 16.217 kemungkinan besar adalah di daerah antara Cina dan Asia Tenggara. Selanjutnya terjadi transisi pada posisi 16.261, kemungkinan di Taiwan, yang lalu menyebar ke Filipina dan Indonesia sekitar 6.000 tahun yang lalu. Mereka memperkirakan transisi ketiga, yaitu pada nukleotida 16.246, terjadi baru-baru ini (dalam skala evolusi) di bagian timur Indonesia. Walaupun motif Polinesia Suku Sunda belum mengarah pada

kesimpulan tertentu, namun dari hasil penelitian Maksum (2008) memperlihatkan asumsi bahwa manusia Sunda mengalami transisi c(16.261)T, dan bila dihubungkan dengan hasil penelitian ini maka dapat disimpulkan bahwa manusia Sunda bermigrasi dari Asia walaupun tidak melalui jalur yang dihipotesiskan oleh Melton *et al.* (1995).



Gambar 4. Sisi pemotongan ujung tajam enzim restriksi *DdeI*



Gambar 5. Sisi pemotongan ujung tumpul enzim restriksi *AluI*

Analisis menggunakan enzim restriksi *DdeI* dan *AluI* dilakukan untuk melihat terjadinya mutasi pada nukleotida 10.394 dan 10.397. Enzim restriksi *DdeI* mengenali urutan CT↓NAG dengan ujung pemotongan tajam (Gambar 4), sedangkan enzim restriksi *AluI* mengenali urutan AG↓CT dengan sisi pemotongan yang tumpul (Gambar 5). Pada analisis restriksi didapatkan 14 individu yang mengalami restriksi oleh enzim *AluI*, *DdeI* (-,-) dan situs (+,+) pada 9 individu (Tabel 1). Motif (-,-) dan (+,+) pada manusia Sunda sesuai dengan hipotesis Torroni *et al.* (1994) yang menyatakan bahwa motif situs restriksi *AluI* dan *DdeI* manusia Indonesia (Asia) adalah (-,-) dan (+,+). Situs restriksi yang terbentuk pada manusia Sunda ini memberikan asumsi yang memperkuat hasil analisis delesi 9 pb yang menyatakan bahwa manusia Sunda memiliki Motif manusia Asia (Tabel 2).

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil yang diperoleh maka dapat diketahui bahwa biogeografi suku Sunda ditunjukkan oleh beberapa varian, dan terdapat penanda lain seperti delesi 9pb dan fragmen DNA hasil restriksi enzim *AluI* dan *DdeI* yang memberikan informasi bahwa suku Sunda membawa marker Asia. Berdasarkan analisis varian dapat disimpulkan migrasi suku Sunda berawal dari barat ke timur, yang ditunjukkan oleh Kampung Baduy dengan haplogrup N9a6a yang lebih tua dibandingkan dengan haplogrup pada Kampung Kuta yaitu B5a. Selain itu ditemukan satu varian baru yaitu 16033C.

Tabel 2. Analisis situs restriksi *AluI* dan *DdeI*

| No | Kode Sampel | Pasang Basa | Situs restriksi <i>AluI</i> dan <i>DdeI</i> |
|----|-------------|----------------|---|
| 1 | B2 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 2 | B4 | 90 pb | (-, -) |
| 3 | B5 | Sekitar 100 pb | (+, +) |
| 4 | C1 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 5 | C2 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 6 | C3 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 7 | C4 | 90 pb | (+, +) |
| 8 | C5 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 9 | D1 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 10 | D2 | Sekitar 100 pb | (+, +) |
| 11 | D3 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 12 | D4 | 90 pb | (+, +) |
| 13 | D5 | 90 pb | (-, -) |
| 14 | K1 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 15 | K2 | 90 pb | (+, +) |
| 16 | K3 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 17 | K4 | 90 pb | (-, -) |
| 18 | K5 | Sekitar 100 pb | (+, +) |
| 19 | L1 | 90 pb | (-, -) |
| 20 | L2 | 90 pb | (+, +) |
| 21 | L3 | 90 pb | (+, +) |
| 22 | L4 | Sekitar 100 pb | (-, -) |
| 23 | L5 | 90 pb | (+, +) |

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai oleh Program Kreativitas Mahasiswa Ristekdikti. Untuk itu penulis mengucapkan terima kasih kepada Pimpinan Ristekdikti, Pimpinan Universitas Padjadjaran, Dekan FMIPA dan FISIP Universitas Padjadjaran, Kepala Departemen Kimia dan Antropologi, Ketua Prodi Sarjana Kimia dan Antropologi serta Kepala Laboratorium dan seluruh staf Laboratorium Biomolekular Kesehatan dan Pangan Kimia FMIPA Universitas Padjadjaran, Tokoh masyarakat Kampung Baduy dan Lurah Kampung Kuta yang telah membantu terlaksananya penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

Behar, D.M., Van Oven, M., Rosset, S., Metspalu, M., Loogväli, E.L., Silva, N.M., Kivisild, T., Torroni, A. & Villems, R. (2012). A “Copernican” reassessment of the human mitochondrial DNA tree from its root. *The American Journal of Human Genetics*. 90(4): 675-684.

Dienaputra, R. (2011) *Sunda: Sejarah, Budaya, dan Politik*. Sastra Unpad Press, Sumedang.

Djoewisno (1988) *Potret kehidupan masyarakat Baduy*. Edisi ke-2. Khas Studio, Jakarta.

Ekadjati, E.S. (1984) *Masyarakat Sunda dan Kebudayaanannya*. Edisi ke-1. PT. Karya Nusantara, Jakarta.

Giles, R.E., Blanc, H., Cann, H.M. & Wallace, D.C., (1980). Maternal inheritance of human mitochondrial DNA. *Proceedings of the National academy of Sciences*. 77(11): 6715-6719.

Gumilar, G.G., Purnamasari, Y. & Setiadi, R. (2016). Mitochondrial DNA variant at HVI region as a candidate of genetic markers of type 2 diabetes. *AIP Conference Proceedings*. 1708(1): 040004.

Handoko, H.Y., Lum, J.K., Rismalia, G., Kartapradja, H., Sofro, A.S.M. & Marzuki, S. (2007). Length variations in the COII-tRNA[Lys] intergenic region of mitochondrial

- DNA in Indonesian populations. *Human Biology*. **73**(2): 205–223.
- Hartati, Y.W., Maksum, I.P., & Kamara, D.S. (2004) Amplikasi 0,4 kb daerah D-Loop DNA mitokondria dari sel epitel rongga mulut untuk keperluan forensik. Laporan Penelitian. Universitas Padjadjaran.
- Hudson, W. (2017) Whole-loop mitochondrial DNA D-loop sequence variability in Egyptian Arabian equine matriline. *PLoS ONE*. **12**(8): 1–8.
- Maksum, I.P. (2008) Analisis urutan nukleotida daerah hipervariabel (HVI) DNA mitokondria untuk menentukan motif populasi Suku Sunda. *Bionatura*. **10**(2): 116–128.
- Maksum, I.P. (2019) PCR Dalam Investigasi Penyakit Mitokondria. Alqaprint, Sumedang.
- Maksum, I.P., Sriwidodo, Gaffar, S., Hasan, K., Subroto, T., & Soemitro, S. (2019) *Teknik Biologi Molekular*. Alqaprint, Sumedang.
- Melton, T., Peterson, R., Redd, A.J., Saha, N., Sofro, A.S., Martinson, J. & Stoneking, M. (1995). Polynesian genetic affinities with Southeast Asian populations as identified by mtDNA analysis. *American Journal of Human Genetics*. **57**(2): 403–414.
- MitoMap (2008) Simplified mtDNA lineages. Africa, 4529.
- Morovvati, S., Modarresi, M., Habibi, G., Kiarudi, Y., Karami, A. & Peyvandi, A.A. (2007). Sequence analysis of mitochondrial DNA hypervariable regions: an approach to personal identification. *Archives of Medical Research*, **38**(3): 345–349.
- Nesheva, D.V. (2014) Aspects of ancient mitochondrial DNA analysis in different populations for understanding human evolution. *Balkan Journal of Medical Genetics*. **17**(1): 5–14.
- ur Rasheed, H., Jawad, M., Nazir, S., Noreen, S. & Rakha, A. (2017). mtDNAMap: Geographic representation of mtDNA Haplogroups. *Forensic Science International: Genetics Supplement Series*. **6**: e516–e517.
- Sambrook, J., Fritsch, E.F., & Maniatis, T. (1989) Molecular cloning: a laboratory manual. 2nd ed. Cold Spring Harbor, New York.
- Sultana, G.N.N. & Sultan, M.Z. (2018) Mitochondrial DNA and methods for forensic identification. *Journal of Forensic Sciences & Criminal Investigation*. **9**(1): 555755.
- Torroni, A., Lott, M.T., Cabell, M.F., Chen, Y.S., Lavergne, L. & Wallace, D.C. (1994). mtDNA and the origin of Caucasians: identification of ancient Caucasian-specific haplogroups, one of which is prone to a recurrent somatic duplication in the D-loop region. *American Journal of Human Genetics*. **55**(4): 760–776.
- Tsutsumi, H., Komuro, T., Mukoyama, R. & Nogami, H. (2006) Hypervariable region structure and polymorphism of mtDNA from dental pulp and a family analysis. *Journal of Oral Science*. **48**(3): 145–152.
- Weissensteiner, H., Pacher, D., Kloss-Brandstätter, A., Forer, L., Specht, G., Bandelt, H.J., Kronenberg, F., Salas, A. & Schönherr, S. (2016). HaploGrep 2: mitochondrial haplogroup classification in the era of high-throughput sequencing. *Nucleic Acids Research*. **44**(W1): W58–W63.